

Owady stanowią najliczniejszą grupę zwierząt na Ziemi. Zasiedlają różnorodne ekosystemy, od gorących piasków pustyni po zimne wody górskich potoków. Ich ciała są skolonizowane przez liczne mikroorganizmy, które występują nie tylko na powierzchni szkieletu zewnętrznego, lecz także w przewodzie pokarmowym, jamach ciała, a nawet w komórkach gospodarza. Znaczącą ich część stanowią bakterie, które mogą pełnić pozytywną rolę m.in. syntetyzując aminokwasy niezbędne gospodarzowi lub chroniąc go przed rozwojem patogenów. Badania profili kompleksów bakterii związanych z owadami cieszą się niesłabnącym zainteresowaniem naukowców. Szczególna uwaga zwracana jest na bakterie endosymbiotyczne, które wykształciły mechanizmy manipulacji procesami rozmnażania owadów, zapewniając sobie tym samym drogę transmisji do kolejnych pokoleń gospodarza. Przykładem takiej bakterii jest *Wolbachia*. Jej transmisja, podobnie jak w przypadku genomu mitochondrialnego, zachodzi w linii matczynej. Stąd też *Wolbachia* jest w stanie indukować procesy, których celem jest zwiększenie udziału zainfekowanych samic w populacji. Co więcej, *Wolbachia* jest również wiązana ze zmianami poziomu zmienności genetycznej gospodarza, szczególnie na poziomie mitochondrialnego DNA oraz oddziaływaniami na profile mikroorganizmów związanych z zainfekowanym gospodarzem. Niemniej jednak większość badań nad tymi zależnościami dotyczy zainfekowanych owadów zasiedlających ekosystemy lądowe. W przypadku owadów wodnych, nieliczne doniesienia skupiają się jedynie na detekcji endosymbionta.

Zauważając lukę w wiedzy, postanowiono przeprowadzić badania, których celem jest ocena stopnia zainfekowania populacji owadów słodkowodnych endosymbiontami w szerszej skali geograficznej, określenie prawdopodobnego wpływu tych bakterii na poziom zmienności genetycznej gospodarza, analiza koewolucji gospodarz-symbiont oraz ocena wpływu endosymbiontów (głównie *Wolbachia*) na inne grupy bakterii związanych z gospodarzem. Obiektem badań będzie modelowy gatunek słodkowodnego pluskwiaka, płaszczak *Aphelocheirus aestivalis* (Insecta, Heteroptera), zasiedlający czyste rzeki oraz potoki o piaszczystym lub piaszczysto-żwirowym dnie. Jest to jedyny przedstawiciel monotypowej rodziny Aphelocheiridae, który powszechnie występuje w Europie. Niemniej jednak ze względu na wrażliwość na zanieczyszczenia oraz regulacje cieków wodnych, obserwuje się postępujący regres ilościowy tego gatunku i ustępowanie populacji w części zasięgu, co spowodowało umieszczenie *A. aestivalis* na liście gatunków zagrożonych m.in. w Czechach oraz Słowacji. Płaszczak charakteryzuje się ograniczonymi zdolnościami dyspersyjnymi, co wiązać się może z ograniczeniem przepływu genów pomiędzy populacjami skutkując z kolei zwiększeniem zróżnicowania genetycznego populacji zasiedlających odległe stanowiska. Niemniej jednak przeprowadzone badania wstępne wykazały niski poziom zróżnicowania genetycznego gatunku, zarówno na poziomie mitochondrialnego, jak i jądrowego DNA oraz powszechną obecność bakterii *Wolbachia* infekującej wszystkie badane osobniki.

Zaprojektowane badania wykorzystywać będą analizy wybranych fragmentów DNA mitochondrialnego (COI, 16S) oraz jądrowego (ITS2, EF1 $\alpha$  oraz 20 polimorficznych loci mikrosatelitarnego DNA) gospodarza. Umożliwi to oszacowanie poziomu zmienności genetycznej 30 populacji gatunku modelowego zasiedlających rzeki w obrębie największych europejskich dorzeczy. Ponadto analizowana będzie zmienność fragmentów DNA bakterii endosymbiotycznych, co pozwoli wskazać potencjalną koewolucję gospodarz-symbiont. Dodatkowo, w oparciu o wysokowydajne sekwencjonowanie nowej generacji zostaną określone profile mikrobiota związane z osobnikami *A. aestivalis* zainfekowanymi i niezainfekowanymi *Wolbachia*, dzięki czemu możliwa będzie ocena wpływu tych bakterii na kompleksy mikrobiota gospodarza. Będą to pierwsze tego typu badania, w których modelowym gatunkiem będzie przedstawiciel owadów wodnych.